

1/13

**Figure 1 : Alignment of the BASB109 polynucleotide sequences.****Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

```
*           20           *
Seqid1 : ATGTCTAAGCCTACTTTGATAAAAACAACC : 30
Seqid3 : ..... : 30

           40           *           60
Seqid1 : TTAATTTGTGCCTTAAGTGCATTGATGCTC : 60
Seqid3 : ..... : 60

           *           80           *
Seqid1 : AGTGGTTGTAGCAATCAAGCGGACAAAGCC : 90
Seqid3 : ..... : 90

           100           *           120
Seqid1 : GCCCAGCCAAAAGCAGCACGGTAGACGCT : 120
Seqid3 : ..... : 120

           *           140           *
Seqid1 : GCCGCCAAGACAGCAAATGCAGATAATGCT : 150
Seqid3 : ..... : 150

           160           *           180
Seqid1 : GCCTCACAAGAACATCAAGGCGAGCTGCCT : 180
Seqid3 : ..... : 180

           *           200           *
```

## 2/13

Seqid1 : GTCATTGATGCCATTGTTACGCATGCACCA : 210  
Seqid3 : ..... : 210

220 \* 240  
Seqid1 : GAAGTTCCACCACCTGTTGACCGTGACCAC : 240  
Seqid3 : ..... : 240

\* 260 \*  
Seqid1 : CCCGCCAAAGTGGTGGTAAAAATGGAAACC : 270  
Seqid3 : ..... : 270

280 \* 300  
Seqid1 : GTTGAAAAAGTCATGCGTCTGGCAGATGGC : 300  
Seqid3 : ..... : 300

\* 320 \*  
Seqid1 : GTGGAATATCAGTTTTGGACATTTGGCGGT : 330  
Seqid3 : ..... : 330

340 \* 360  
Seqid1 : CAAGTTCCAGGGCAGATGATTCGTGTGCGT : 360  
Seqid3 : ..... : 360

\* 380 \*  
Seqid1 : GAAGGCGACACCATCGAAGTGCAGTTCTCA : 390  
Seqid3 : ..... : 390

3/13

400 \* 420  
Seqid1 : AACCAACCAGATTCAAAAATGCCCCATAAT : 420  
Seqid3 : ..... : 420

\* 440 \*  
Seqid1 : GTTGACTTTCACGCTGCCACAGGGCCTGGC : 450  
Seqid3 : ..... : 450

460 \* 480  
Seqid1 : GGCGGGGCAGAAGCGTCATTTACCGCACCG : 480  
Seqid3 : ..... : 480

\* 500 \*  
Seqid1 : GGTCATACATCAACCTTTAGTTTTAAAGCC : 510  
Seqid3 : ..... : 510

520 \* 540  
Seqid1 : TTACAGCCTGGTTTGTATGTCTATCACTGT : 540  
Seqid3 : ..... : 540

\* 560 \*  
Seqid1 : GCGGTTGCCCCTGTTGGCATGCACATTGCT : 570  
Seqid3 : ..... : 570

580 \* 600  
Seqid1 : AATGGCATGTATGGTTTGATTTTGGTTGAA : 600  
Seqid3 : ..... : 600

WO 01/19996

4/13

\*                      620                      \*

Seqid1 : CCAAAAGAGGGCTTGCCAAAAGTAGATAAA : 630  
 Seqid3 : ..... : 630

640                      \*                      660

Seqid1 : GAATACTATGTCATGCAAGGCGACTTTTAT : 660  
 Seqid3 : ..... : 660

\*                      680                      \*

Seqid1 : ACCAAAGGCAAATATGGCGAACAAGGTCTA : 690  
 Seqid3 : ..... : 690

700                      \*                      720

Seqid1 : CAGCCCTTTGATATGGAAAAAGCCATTCGA : 720  
 Seqid3 : ..... : 720

\*                      740                      \*

Seqid1 : GAAGATGCTGAATATGTTGTCTTTAATGGT : 750  
 Seqid3 : ..... : 750

760                      \*                      780

Seqid1 : TCGGTGGGGGCGTTGACTGGTGAAAATGCT : 780  
 Seqid3 : ..... : 780

\*                      800                      \*

Seqid1 : CTAAAAGCCAAGGTTGGCGAAACTGTTCGC : 810  
 Seqid3 : ..... : 810

WO 01/19996

5/13

820 \* 840  
Seqid1 : TTATTTGTGGGTAACGGCGGCCCGAATTTG : 840  
Seqid3 : ..... : 840

\* 860 \*  
Seqid1 : ACATCATCATTCCATGTCATTGGTGAGATT : 870  
Seqid3 : ..... : 870

880 \* 900  
Seqid1 : TTTGATAAGGTTCACTTTGAGGGTGGTAAG : 900  
Seqid3 : ..... : 900

\* 920 \*  
Seqid1 : GGTGAAAACCACAATATCCAAACCACGCTA : 930  
Seqid3 : ..... : 930

940 \* 960  
Seqid1 : ATCCCAGCAGGTGGCGCTGCCATCACTGAA : 960  
Seqid3 : ..... : 960

\* 980 \*  
Seqid1 : TTTAAGGTGGATGTGCCGGGTGATTATGTC : 990  
Seqid3 : ..... : 990

1000 \* 1020  
Seqid1 : TTGGTTGACCATGCCATCTTCCGTGCCTTT : 1020  
Seqid3 : ..... : 1020

6/13

\* 1040 \*

Seqid1 : AACAAAGGGGCATTGGGCATACTTAAGGTG : 1050

Seqid3 : ..... : 1050

1060 \* 1080

Seqid1 : GAAGGTGAAGAAAATCATGAGATTTATTCA : 1080

Seqid3 : ..... : 1080

\* 1100 \*

Seqid1 : CACAAACAAACAGACGCTGTCTATCTGCCA : 1110

Seqid3 : ..... : 1110

1120 \* 1140

Seqid1 : GAGGGTGCCCCACAAGCAATTGATACCCAA : 1140

Seqid3 : ..... : 1140

\* 1160 \*

Seqid1 : GAAGCACCCAAAACACCTGCACCTGCCAAC : 1170

Seqid3 : ..... : 1170

1180 \* 1200

Seqid1 : TTACAAGAGCAGATTAAAGCAGGTAAGGCA : 1200

Seqid3 : ..... : 1200

\* 1220 \*

Seqid1 : ACCTATGACTCTAACTGTGCTGCTTGTCAC : 1230

Seqid3 : ..... : 1230

7/13

1240 \* 1260  
Seqid1 : CAACCTGATGGTAAAGGCGTGCCAAACGCT : 1260  
Seqid3 : ..... : 1260

\* 1280 \*  
Seqid1 : TTCCCACCGCTTGCCAACTCTGACTATCTG : 1290  
Seqid3 : ..... : 1290

1300 \* 1320  
Seqid1 : AACGCCGACCACGCTCGTGCCGCCAGCATC : 1320  
Seqid3 : ..... : 1320

\* 1340 \*  
Seqid1 : GTGGCAAATGGATTGTCTGGTAAGATTACC : 1350  
Seqid3 : ..... : 1350

1360 \* 1380  
Seqid1 : GTCAATGGCAACCAATATGAAAGCGTCATG : 1380  
Seqid3 : ..... : 1380

\* 1400 \*  
Seqid1 : CCTGCGATTGCTCTGAGCGACCAACAGATT : 1410  
Seqid3 : ..... : 1410

1420 \* 1440

8/13

Seqid1 : GCCAATGTCATCACCTACACGCTTAACAGC : 1440  
Seqid3 : ..... : 1440

\* 1460 \*

Seqid1 : TTTGGTAACAAAGGCGGTCAACTCAGTGCA : 1470  
Seqid3 : ..... : 1470

1480 \* 1500

Seqid1 : GACGATGTGGCAAAAGCCAAAAAACCAAG : 1500  
Seqid3 : ..... : 1500

Seqid1 : CCAAACCTGA : 1509  
Seqid3 : ..... : 1506



9/13

**Figure 2 : Alignment of the BASB109 polypeptide sequences.****Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

Seqid2 : MSKPTLIKTTLICALSALMLSGCSNQADKA : 30

Seqid4 : ..... : 30

40 \* 60

Seqid2 : AQPKSSTVDAAAKTANADNAASQEHQGELP : 60

Seqid4 : ..... : 60

\* 80 \*

Seqid2 : VIDAIVTHAPEVPPPVD RDHPAKVVVKMET : 90

Seqid4 : ..... : 90

100 \* 120

Seqid2 : VEKVMRLADGVEYQFWTFGGQVPGQMIRVR : 120

Seqid4 : ..... : 120

\* 140 \*

Seqid2 : EGD TIEVQFSNHPDSKMPHNVDFAATGPG : 150

Seqid4 : ..... : 150

160 \* 180

Seqid2 : GGAEASFTAPGHTSTFSFKALQPGLYVYHC : 180

## 10/13

Seqid4 : ..... : 180

\* 200 \*

Seqid2 : AVAPVGMHIANGMYGLILVEPKGLPKVVK : 210

Seqid4 : ..... : 210

220 \* 240

Seqid2 : EYYVMQGDIFYTKGKYGEQGLQPFDMKAKIR : 240

Seqid4 : ..... : 240

\* 260 \*

Seqid2 : EDAEYVVFNGSVGALTGENALKAKVGETVR : 270

Seqid4 : ..... : 270

280 \* 300

Seqid2 : LFVGNNGGPNLTSSFHVIGEIFDKVHFEGGK : 300

Seqid4 : ..... : 300

\* 320 \*

Seqid2 : GENHNIQTTLIPAGGAAITEFKVDVPGDYV : 330

Seqid4 : ..... : 330

11/13

340

\*

360

Seqid2 : LVDHAI FRAFNKGALGILKVEGEENHEIYS : 360

Seqid4 : ..... : 360

\*

380

\*

Seqid2 : HKQTDVAVYLPEGAPQAIDTQEAPKTPAPAN : 390

Seqid4 : ..... : 390

400

\*

420

Seqid2 : LQEQIKAGKATYDSNCAACHQPDGKGV PNA : 420

Seqid4 : ..... : 420

\*

440

\*

Seqid2 : FPPLANS DYLNADHARAASIVANGLSGKIT : 450

Seqid4 : ..... : 450

460

\*

480

Seqid2 : VNGNQYESVMPAIALSDQQIANVITYTLNS : 480

Seqid4 : ..... : 480

\*

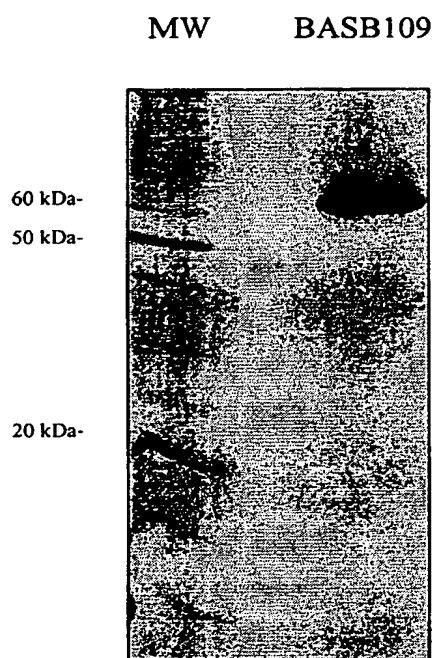
500

12/13

Seqid2 : FG NKGGQLSADDVAKAKKTKPN : 502

Seqid4 : ..... : 502

13/13

**Figure 3-A: Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB109****Figure 3-B: Western-blotting of purified BASB109 (anti-His antibody).****Fig. 3-A****Fig. 3-B**